

DOI: 10.3724/SP.J.1005.2008.01341

## 长江中上游两个鲢群体遗传变异的微卫星分析

王长忠<sup>1,2</sup>, 梁宏伟<sup>2</sup>, 邹桂伟<sup>1,2</sup>, 罗相忠<sup>2</sup>, 李忠<sup>2</sup>, 田华<sup>1,2</sup>, 呼光富<sup>1,2</sup>

1. 华中农业大学水产学院, 武汉 430070;

2. 农业部淡水鱼类种质资源与生物技术重点开放实验室, 中国水产科学研究院长江水产研究所, 荆州 434000

**摘要:** 对长江中上游 2 个鲢群体使用 39 个微卫星标记进行了遗传多样性分析, 计算并统计了平均观测等位基因数、平均有效等位基因数、多态信息含量、遗传杂合度、Hardy-Weinberg 平衡偏离指数、遗传相似系数、遗传距离等遗传参数。结果表明: 万州鲢和监利鲢群体所检测微卫星位点的平均观测等位基因数分别为 6.128 和 4.974; 平均有效等位基因数分别为 4.107 和 3.395; 多态位点百分率分别为 100 和 94.87; 39 个微卫星标记共有等位基因 259 个, 173 个等位基因为两群体所共有; 多态微卫星位点的 *PIC* 在 0.077~0.865 之间变动, 平均为 0.617; 两群体所检测位点平均观测杂合度为 0.834 和 0.775, 平均期望杂合度为 0.713 和 0.623; 两个群体间的遗传相似系数为 0.618, 群体间的遗传距离为 0.482。结果显示长江中上游两个鲢群体间存在显著遗传分化, 应隶属于不同的种群。

**关键词:** 鲢; 微卫星; 野生群体; 遗传变异

## Genetic variation analysis of two silver carp populations in the middle and upper Yangtze River by microsatellite

WANG Chang-Zhong<sup>1, 2</sup>, LIANG Hong-Wei<sup>2</sup>, ZOU Gui-Wei<sup>1, 2</sup>, LUO Xiang-Zhong<sup>2</sup>, LI Zhong<sup>2</sup>, TIAN Hua<sup>1, 2</sup>, HU Guang-Fu<sup>1, 2</sup>

1. Fisheries College of Huazhong Agricultural University, Wuhan 430070, China;

2. Key Lab of Freshwater Fish Germplasm Resources and Biotechnology Certificated by Ministry of Agriculture, Yangtze River Fisheries Research Institute, Chinese Academy of Fishery Sciences, Jingzhou 434000, China

**Abstract:** Thirty nine microsatellite markers were applied to analyze the genetic diversity of two silver carp populations in the middle and upper reaches of the Yangtze River. The following parameters were calculated: average observed number of alleles, average effective number of alleles, genetic heterozygosity, polymorphism information content (*PIC*), genetic similarity coefficient, genetic distance, Hardy-Weinberg balance deflection index. These results indicated that the average observed number of alleles in each microsatellite locus of the Wanzhou population and Jianli populations is 6.128 and 4.974, respectively; the average effective number of alleles is 4.107 and 3.395, respectively; and the number of total alleles of these 39 microsatellite loci is 259. The *PIC* of polymorphic loci varies between 0.077–0.865, and the average *PIC* is 0.617. The average observed heterozygosity (*Ho*) of two populations is 0.834 and 0.775, respectively, and the average expective

收稿日期: 2008-01-31; 修回日期: 2008-03-24

基金项目: 国家“十一五”科技支撑计划项目(编号: 2006BAD01A1205)和国家科技基础条件平台专项(编号: 2006DKA30470-002)资助[Supported by the National Science & Technology Pillar Program in the Eleventh Five-year Plan Period (No. 2006BAD01A1205), and the National Key Basic Program of Science & Technology (No.2006DKA30470-002)]

作者简介: 王长忠(1982-), 男, 硕士研究生, 专业方向: 鱼类遗传育种。E-mail: yuhan1000@tom.com

通讯作者: 邹桂伟(1963-), 男, 研究员, 研究方向: 鱼类遗传育种。E-mail: zougw@yfi.ac.cn

heterozygosity ( $H_e$ ) is 0.713 and 0.623, respectively. The genetic similarity coefficient of two populations is 0.618 and the genetic distance of these populations is 0.482. These results indicated that the two populations belong to different populations for the obvious genetic differentiation.

**Keywords:** silver carp; microsatellite; wild population; genetic variation

鲢(*Hypophthalmichthys molitrix*), 是我国特有的“四大家鱼”之一, 主要分布于长江、黑龙江和珠江水系, 在我国淡水渔业中占有重要的地位。长江是我国鲢天然资源的重要产地, 其养殖性能明显优于其他水系<sup>[1]</sup>。然而, 由于近年长江水系自然环境的剧烈变化, 使得长江水系鲢野生群体的产量急剧下降<sup>[2]</sup>, 其生长表现、抗病抗逆性和遗传多样性等也都有明显的降低<sup>[3]</sup>。此外, 因洪水导致的养殖个体逃逸和较大规模的人工鱼苗放流实践也加剧了对天然群体遗传多样性的扰动。迄今为止, 我国学者对长江水系鲢群体的遗传变异有了一定的研究<sup>[2-9]</sup>, 但主要集中于长江中下游江段, 对长江上游江段鲢群体遗传变异的研究目前尚未见报道。

微卫星(Microsatellite)是一类广泛存在于真核生物基因组中的具有高度变异性的简单重复 DNA 序列<sup>[10]</sup>。它具有按照孟德尔方式遗传、多态信息含量丰富、呈共显性遗传、能应用于简便快速的基因型检测<sup>[11]</sup>等特点。目前, 微卫星标记技术已被广泛应用于遗传图谱的构建、分子标记辅助育种、QTL 定位及亲子鉴定等研究<sup>[12-15]</sup>。本文利用 39 个微卫星标记对长江中上游两个鲢群体进行了遗传变异研究, 为合理开发和利用鲢天然资源以及建立和保护鱼类种质资源库和基因库提供一定的理论基础。

## 1 材料和方法

### 1.1 材料

采自重庆万州江段的野生鲢(以下简称 WZ)24 尾, 采自湖北监利江段的野生鲢(以下简称 JL)48 尾。

### 1.2 微卫星 PCR 反应仪器及试剂

PCR 仪(PTC-200 DNA Engine Cycler)为美国 MJ Research 公司生产, 高速冷冻离心机(Eppendorf 5415R、5417R)为德国 Eppendorf 公司生产, 凝胶成像系统(BIO-RAD Laboratories-Segrate Italy)。Taq DNA 聚合酶、dNTPs 等试剂购自 TaKaRa (大连) 公司。

### 1.3 微卫星引物

利用本课题组自行开发和文献报道的微卫星引物序列<sup>[3,16]</sup>, 由上海生工生物工程技术有限公司合成 39 对引物, 微卫星引物及筛选后的复性温度见表 1。

### 1.4 基因组 DNA 的提取

取约 0.2 g 尾鳍剪碎, 用苯酚-氯仿法参考文献[17]的程序进行基因组 DNA 提取, 并用 1.0% 的琼脂糖凝胶电泳检测。

### 1.5 微卫星 PCR 扩增条件及产物检测

PCR 反应体系: 反应体积为 15  $\mu$ L, 反应混和液组成为 10 $\times$ PCR buffer(1.5  $\mu$ L)、dNTPs (0.2 mmol/L)、Taq DNA 聚合酶(1 U)、10  $\mu$ mol/L Primer<sup>+</sup> (0.5  $\mu$ L)、10  $\mu$ mol/L Primer (0.5  $\mu$ L)、DNA Template (30 ~ 50 ng)、加 ddH<sub>2</sub>O 至反应体积为 15  $\mu$ L。PCR 反应程序: 94 预变性 5 min, 然后 32 个循环, 每一个循环 94 变性 30 s, 51~55 复性 45 s(复性温度见表 1), 72 延伸 1.5 min, 循环结束后 72 延伸 6 min, 4 保存。PCR 扩增产物检测: 先用 1.0% 琼脂糖凝胶电泳检测引物扩增情况, 对于有良好扩增条带的引物, 用 10% 的非变性聚丙烯酰胺凝胶在 220 V 电压下电泳, 银染色。将固定后的聚丙烯酰胺凝胶放入凝胶成像系统, 用相机拍照并保存图片, 根据电泳结果显示的条带位置的不同确定其基因型, 并以 100 bp marker 为对照。

### 1.6 数据处理

微卫星位点的有效等位基因数、基因观测杂合度( $H_e$ )、基因期望杂合度( $H_o$ )、遗传相似系数( $J_N$ )、遗传距离( $D$ )和固定指数( $F_{st}$ )等参数使用 Popgene 32 软件进行统计分析。

Hardy-Weinberg 平衡偏离指数( $D$ )按以下公式计算:  $D=(H_o-H_e)/H_e$ 。多态信息含量按 BOTSTEIN 等<sup>[18]</sup>的公式计算:

$$PIC = 1 - \sum_{i=1}^m p_i^2 - \sum_{i=1}^{m-1} \sum_{j=i+1}^m 2p_i^2 p_j^2$$

其中  $p_i$  和  $p_j$  分别为第  $i$  和第  $j$  个等位基因在群体中的频率,  $m$  为等位基因数。

## 2 结果与分析

### 2.1 电泳结果

39 对引物在 2 个野生鲢群体中经 PCR 特异扩增和聚丙烯酰胺凝胶电泳检测后均呈现出清晰的目的片段, 电泳结果见图 1 和图 2。

### 2.2 微卫星标记的遗传多样性

在同一微卫星座位上等位基因数目和频率的差异可以反映出物种群体内和群体间的差异。各微卫星标记的引物、PCR 扩增条件、等位基因大小和数量等参数见表 1。经数据统计, 本研究使用的 39 对微卫星引物, 在万州鲢群体中所有位点均表现为多态, 在监利鲢群体中除 BL12 和 hljy1516 表现为单态之外, 其余位点都表现出不同程度的多态性, 万州鲢和监利鲢群体多态位点百分率分别为 100 和 94.87。所检测位点在万州鲢和监利鲢群体的观测等位基因数分别为 2~11 个和 1~10 个, 平均观测等位基因数分别为 6.128 和 4.974, 平均有效等位基因数分别为 4.107 和 3.395。39 个微卫星标记共检测到等位基因 259 个, 其中万州鲢群体和监利

鲢群体分别具有 239 个和 194 个等位基因, 173 个等位基因为两个群体所共有。

两个群体多态微卫星位点的  $PIC$  在 0.077~0.865 之间变动, 平均为 0.617。其中, 万州鲢群体所检测位点  $PIC$  在 0.152~0.865 之间, 平均为 0.661; 监利鲢群体所检测多态位点的  $PIC$  在 0.077~0.848 之间, 平均为 0.572。平均观测杂合度分别为 0.834 和 0.775, 平均期望杂合度分别为 0.713 和 0.623。Hardy-Weinberg 平衡偏离指数(D)检验发现, 两个群体不同基因位点存在杂合子缺失的情况, 其中, 万州鲢和监利鲢群体分别有 6 个基因位点出现缺失(表 1)。这可能是近年来对长江野生鲢的过度捕捞和人为干预的加大, 使得稀有基因发生丢失所致。

### 2.3 群体间遗传相似系数和遗传距离

研究表明, 遗传相似系数是衡量群体间遗传变异程度的可靠参数。群体间亲缘关系越近, 则遗传变异性越低, 相似系数值越大<sup>[19]</sup>。本研究利用 Popgene 32 软件计算了两群体间的  $F_{st}$  值、Nei 氏遗传距离与相似系数, 具体结果见表 2。万州鲢和监利鲢群体间遗传相似系数为 0.618, 群体间遗传距离为 0.482, 两群体间存在显著的遗传分化。两群体间的  $F_{st}$  值为 0.089, 表明两群体间遗传分化程度中等。

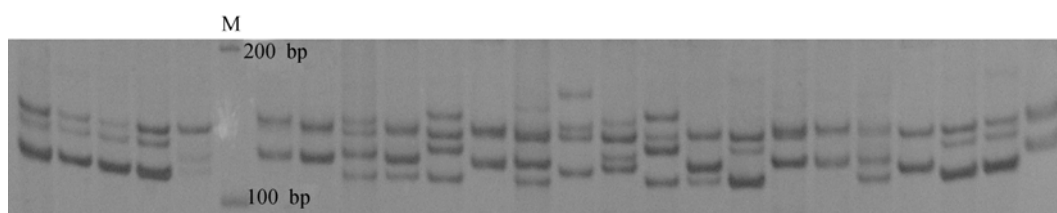


图 1 引物 BL64 在万州鲢群体的 PCR 扩增结果

Fig. 1 PCR result of BL64 in Wanzhou population (WZ) of silver carp

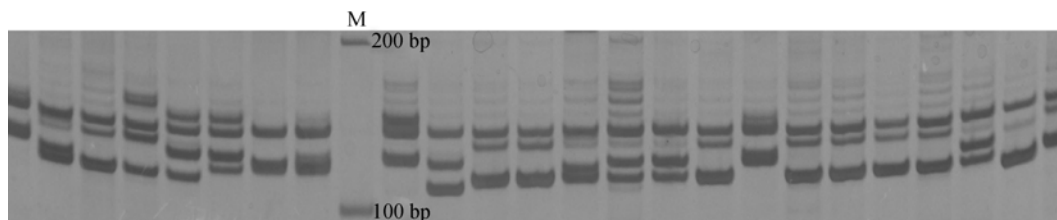


图 2 引物 BL64 在监利鲢群体的 PCR 扩增结果

Fig. 2 PCR result of BL64 in Jianli population (JL) of silver carp





表 2 两个鲢群体的遗传多样性参数

Table 2 Genetic diversity parameters of the two populations of silver carp

群体 Population	样本大小 n	平均观测等 位基因数 A	平均有效等位 基因数 $A_e$	多态位点百 分率 P	观测杂合度 $H_o$	期望杂合 度 $H_e$	遗传相似 系数 $J_N$	遗传距离 D	$F_{st}$
万州鲢 WZ	24	6.128	4.107	100	0.834	0.713	0.618	0.482	0.089
监利鲢 JL	48	4.974	3.395	94.9	0.775	0.623			

### 3 讨论

39 个微卫星引物共检测到 259 个等位基因, 所检测位点等位基因数为 2~12, 其中万州鲢和监利鲢群体所检测位点等位基因数分别在 2~11 个和 1~10 个之间。监利鲢群体的等位基因数与廖梅杰等<sup>[3]</sup>利用微卫星检测长江荆州段 1 个鲢群体所得结果(2~10 个)和朱晓东等<sup>[10]</sup>利用微卫星检测长江中下游 5 个鲢群体所得结果(1~10 个)较为一致; 万州鲢群体等位基因数为 2~11, 与中下游群体存在微小差异。两个群体所共有的等位基因为 173 个, 它们可能是鲢在进化过程中最原始最保守的一部分等位基因, 对于维持鲢物种的稳定有着重要意义。引物 BL2 和 hljy1516 在监利鲢群体中为单态座位, 而在万州鲢群体为多态座位, 表明在此座位上万州鲢群体比监利鲢群体的变异程度高, 对于这两个位点的进一步研究对于有效区分两个鲢群体具有重要的指导作用。

基因杂合度表示群体在某座位杂合子的比例。Nei<sup>[20]</sup>将其视为度量群体遗传变异的一个最合适参数, 位点平均杂合度近似反映遗传结构变异程度高低, 杂合度越大变异越大, 对环境适应能力越强。在 2 个群体之中, 万州鲢群体的平均观测杂合度和平均期望杂合度均高于监利鲢群体, 该结果表明万州鲢群体比监利鲢群体变异程度要高。而在 2 个群体之中, 平均观测杂合度均高于各自相对应的平均期望杂合度, 表明 2 个群体当中杂合子个体所占的比例较大。平均多态信息含量(PIC)是衡量基因片段多态性的理想指标, 当  $PIC > 0.5$  时, 该座位为高度多态性座位; 当  $0.25 < PIC < 0.5$  时, 该座位为中度多态性座位; 当  $PIC < 0.25$  时, 该座位为低度多态性座位<sup>[21]</sup>。万州鲢和监利鲢群体中分别有 32 个和 28 个位点平均 PIC 值大于 0.5, 为高度多态; 两群体中分别有 4 个和 7 个位点平均 PIC 值在 0.25~0.5 之间, 为中度多态; 除 BL12 和 hljy1516 在监利鲢群体表现为单态之外, 两群体分别有 2 个位点平均 PIC 值小于 0.25, 为低度多态。两群体多态微卫星位点的 PIC

在 0.077~0.865 之间变动, 平均为 0.617, 其中, 万州鲢群体所检测位点 PIC 在 0.152~0.865 之间, 平均为 0.661; 监利鲢群体所检测多态位点的 PIC 在 0.077~0.848 之间, 平均为 0.572。从本研究选用的 39 个微卫星位点的多态性来看, 长江中上游两个鲢群体的多态信息含量整体水平较高, 多态性丰富。在遗传连锁分析中,  $PIC > 0.7$  的微卫星 DNA 标记为最理想的选择标记, 本研究中, 有 12 个位点在两个群体中的平均 PIC 值均大于 0.7, 这 12 个位点可用于鲢遗传多样性的进一步分析及未来鲢遗传图谱的构建。

Weight<sup>[22]</sup>指出固定指数  $F_{st}=0 \sim 0.05$  说明群体间的遗传差异很小;  $F_{st}=0.05 \sim 0.15$  说明群体间存在中等程度的遗传差异;  $F_{st}=0.15 \sim 0.25$  说明群体间的遗传差异比较大;  $F_{st} > 0.25$  说明群体间的遗传差异很大。在本研究中, 两个鲢群体的  $F_{st}$  值为 0.089, 表明两个群体间存在中等程度的遗传分化。以等位基因频率计算的遗传距离通常被用来衡量群体间遗传关系。Shaklee 等<sup>[23]</sup>综合已发表的资料, 提出鱼类在属、种和种群三级水平上的遗传距离 D 值分别为 0.90、0.30 及 0.05 的分类依据。在本研究中, 两个野生鲢群体间的遗传相似系数为 0.618, 群体间的遗传距离为 0.482, 表明长江中上游两个鲢群体间存在显著的遗传分化, 应隶属于不同的种群。对于长江水系鲢群体是否隶属于同一种群, 国内学者已有过报道, 赵金良等<sup>[24]</sup>用同功酶标记研究了长江中下游天鹅洲故道、汉阳、瑞昌、安庆四个江段鲢群体的生化遗传变异, 结果显示, 四江段鲢群体间的遗传距离 D 都低于 0.001, 没有明显的遗传分化, 得出了长江中下游鲢群体应同属一个种群的结论, 称之为“长江种群”; 李思发等<sup>[25]</sup>利用线粒体 DNA 对长江中下游鲢进行了多样性分析, 通过对基因型进行聚类, 认为长江中、下游鲢群体可能是从 2 个祖先群体进化而来, 说明长江中下游鲢群体可能在很久以前就发生了遗传分化; 张锡元等<sup>[14]</sup>通过对长江中游金口和武穴两个江段鲢群体的 RAPD 分析, 提示了长



江鲢可能存在不同的类型。朱晓东等<sup>[16]</sup>通过利用 30 个微卫星标记对长江中下游 5 个鲢群体的遗传多样性分析, 进一步证实了长江中下游鲢可能存在两个祖先群体, 各不同地理群体间存在着一定的差异。本研究发现, 长江中上游两个鲢群体隶属于不同的种群, 其原因可能有两点: (1) 长江上游和中游江段的鲢群体可能是从 2 个祖先群体进化而来, 在很久以前就发生了遗传分化; (2) 由于长江上游葛洲坝和三峡大坝等大型水利工程的建筑, 阻断了鲢的洄游路线, 上游和中游群体间缺乏基因流动而彼此互成一独立种群。但是, 对于这一结果的可靠性, 尚需更大样本的进一步检验。

群体的遗传多样性是生命进化和物种分化的基础。任何一个物种或一个生物个体都蕴涵着大量的基因, 它所包含的基因变异越丰富, 对环境的适应能力就越强, 进化的潜力也越大。因此, 长江水系鲢遗传变异的研究对于野生鲢的人工选育、物种保护和整个长江生态系统的稳定都有着重要的意义。

#### 参考文献(References):

- [1] LI Si-Fa. Changjiang River, Zhujiang River, Heilongjiang River Silver Carp, Bighead Carp, Grass Carp Germplasm Resource Research. Shanghai: Shanghai Science & Technology Press, 1990, 25–50.  
李思发. 长江、珠江、黑龙江鲢、鳙、草鱼种质资源研究. 上海: 上海科学技术出版社, 1990, 25–50.
- [2] ZHANG Si-Ming, WANG Deng-Qiang, DENG Huai, YU Lai-Ning. Mitochondrial DNA variations of Silver carp and Grass carp in populations of the middle reaches of the Yangtze river revealed by using RFLP-PCR. *Acta Hydrobiologica Sinica*, 2002, 26(2): 142–146.  
张四明, 汪登强, 邓怀, 余来宁. 长江中游水系鲢和草鱼群体 mtDNA 遗传变异的研究. 水生生物学报, 2002, 26(2): 142–146.
- [3] LIAO Mei-Jie, YANG Guan-Pin, ZOU Gui-Wei, WEI Qi-Wei, WANG Deng-Qiang. Development of microsatellite DNA markers of silver carp (*Hypophthalmichthys molitrix*) and their application in the determination of genetic diversities of silver carp and bighead carp (*Aristichthys nobilis*). *Journal of Fishery Sciences of China*, 2006, 13(5): 756–761.  
廖梅杰, 杨官品, 邹桂伟, 危起伟, 汪登强. 鲢微卫星标记研制及其在鲢和鳙遗传多样性研究中的应用. 中国水产科学, 2006, 13(5): 756–761.
- [4] ZHAO Jin-Liang, LI Si-Fa. Isoenzyme analysis of population divergence of Silver carp, Bighead carp, Grass carp and Black carp in the middle and lower stream of Chang-jiang river. *Journal of Fisheries of China*, 1996, 20(2): 104–110.  
赵金良, 李思发. 长江干流中下游鲢、鳙、草鱼、青鱼原种种群分化的同工酶分析. 水产学报, 1996, 20(2): 104–110.
- [5] XIA De-Quan, YANG Hong, WU Ting-Ting, DONG Zai-Jie, JIAN Ji-Chang, CAO Ying, ZHANG Yan-Sheng. Study on the population genetic structures of Black carp, Grass carp, Silver carp and Bighead fish in Tian-e-zhou open old course of the Yangtze river. *Journal of Fishery Sciences of China*, 1996, 3(4): 11–19.  
夏德全, 杨弘, 吴婷婷, 董在杰, 简纪常, 曹莹, 张燕生. 天鹄洲通江型长江故道“四大家鱼”种群遗传结构的研究. 中国水产科学, 1996, 3(4): 11–19.
- [6] WU Li-Zhao, WANG Zu-Xiong. Biochemical genetic structure and variation in natural population of silver carp from the middle reaches of the Yangtze river. *Acta Hydrobiologica Sinica*, 1997, 21(2): 157–162.  
吴力钊, 王祖熊. 长江中游鲢鱼天然种群的生化遗传结构及变异. 水生生物学报, 1997, 21(2): 157–162.
- [7] ZHANG Xi-Yuan, ZHANG De-Chun, YANG Dai-Shu, DENG Feng-Jiao, YU Lai-Ning, FANG Yao-Lin. Analysis on genetic diversity of hypophthalmichthys molitrix in Chang-jiang river. *Journal of Fisheries of China*, 1999, 23(9): 7–14.  
张锡元, 张德春, 杨代淑, 邓凤娇, 余来宁, 方耀林. 长江鲢遗传多样性的随机扩增多态 DNA 分析. 水产学报, 1999, 23(9): 7–14.
- [8] ZHANG Si-Ming, DENG Huai, WANG Deng-Qiang, YU Lai-Ning. Population structure and genetic diversity of Silver carp and Grass carp from populations of Yangtze river system revealed by RAPD. *Acta Hydrobiologica Sinica*, 2001, 25(4): 324–330.  
张四明, 邓怀, 汪登强, 余来宁. 长江水系鲢和草鱼遗传结构及变异性的 RAPD 研究. 水生生物学报, 2001, 25(4): 324–330.
- [9] ZHU Xiao-Dong, GENG Bo, LI Jiao, SUN Xiao-Wen. Analysis of genetic diversity among silver carp populations in the middle and lower Yangtze River using thirty microsatellite markers. *Hereditas (Beijing)*, 2007, 29(6): 705–713.  
朱晓东, 耿波, 李娇, 孙效文. 利用 30 个微卫星标记分析长江中下游鲢群体的遗传多样性. 遗传, 2007, 29(6): 705–713. [DOI](#)
- [10] Schlotterer C, Tautz D. Slippage synthesis of simple sequence DNA. *Nucl Acid Res*, 1992, 20: 211–215. [DOI](#)
- [11] Weber JL. Informativeness of human (dC-dA) n (dG-dT) n polymorphism. *Genomics*, 1990, 7: 524–530. [DOI](#)
- [12] QU Yan-Chun, DENG Chang-Yan, XIONG Yuan-Zhu, SU Yu-Hong, ZHENG Rong, LIU Gui -Lan. The mi-

- cro-satellite polymorphism research on porcine chromosome 1 and the construction of its genetic map. *Hereditas(Beijing)*, 2002, 24(5): 539–542.
- 屈彦纯, 邓昌彦, 熊远著, 苏玉虹, 郑嵘, 刘桂兰. 猪 1 号染色体微卫星多态性研究及遗传连锁图谱的构建. *遗传*, 2002, 24(5): 539–542.
- [13] TANG Qing-Ping, CHEN Kuan-Wei, LI Hui-Fang, ZHANG Shuang-Jie, ZHAO Dong-Wei. Analysis of the genetic diversity of 12 Chinese indigenous black-bone chicken breeds using microsatellite marker. *Acta Veterinaria et Zootechnica Sinica*, 2005, 36(8): 755–760.
- 汤青萍, 陈宽维, 李慧芳, 章双杰, 赵东伟. 应用微卫星标记对 12 个中国地方乌骨鸡品种遗传多样性的研究. *畜牧兽医学报*, 2005, 36(8): 755–760.
- [14] XU Ning-Ying, Thomsen H, Reinsch N, Looft C, Kalm E. Study of mapping QTLs for milk traits on the German-dairy cattle. *Acta Genetica Sinica*, 2000, 27(9): 772–776.
- 徐宁迎, Thomsen H, Reinsch N, Looft C, Kalm E. 利用微卫星进行奶牛数量性状基因位点定位的研究. *遗传学报*, 2000, 27(9): 772–776.
- [15] HAN Chun-Mei, ZHANG Jia-Bao, GAO Qing-Hua, CHEN Qing-Bo. Study on parentage testing in Jirong rabbit by microsatellite markers. *Hereditas (Beijing)*, 2005, 27(6): 903–907.
- 韩春梅, 张嘉保, 高庆华, 陈庆波. 微卫星 DNA 在吉戎兔亲子鉴定中的应用研究. *遗传*, 2005, 27(6): 903–907.
- [16] GENG Bo, SUN Xiao-Wen, LIANG Li-Qun, OUYANG Hong-Sheng, TONG Jin-Gou. Microsatellite analysis of genetic diversity of *Aristichthys nobilis* in China. *Hereditas(Beijing)*, 2006, 28(6): 683–688.
- 耿波, 孙效文, 梁利群, 欧阳洪生, 童金苟. 利用 17 个微卫星标记分析鳊鱼的遗传多样性. *遗传*, 2006, 28(6): 683–688.
- [17] Sambrook J, Fritsch EF, Maniatis T. *Molecular Cloning: A Laboratory Manual*. New York: Cold Spring Harbor Laboratory Press, 1989.
- [18] Botstein D, White RL, Skolnick M. Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms. *Am J Hum genet*, 1980, 32: 314–331.
- [19] Plosky Y, Cahner A, Haberfeld A. DNA Fingerprint bands applied to linkage analysis with quantitative trait loci in chickens. *Animal Genetics*, 1993, 24: 105–110.
- [20] Nei M. Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individual. *Genetics*, 1978, 89: 583–590.
- [21] NEI M. Genetic distance between populations. *Anim Nat*, 1972, 106: 283–229. [DOI](#)
- [22] Weight S. *Evolution and the Genetics of Population Variability Within and Among Natural Population*. Chicago: University of Chicago Press, 1978, 4.
- [23] Shaklee JB, Tamaru CS, Waples RS. Speciation and evolution of marine fishes studied by the electrophoresis analysis of proteins. *Pacific Sci*, 1982, 36: 141–157.
- [24] ZHAO Jin-Liang, LI Si-Fa. Isoenzyme analysis of population divergence of Silver carp, Bighead carp, Grass carp and Black carp in the middle and lower stream of Changjiang river. *Journal of Fisheries of China*, 1996, 20(2): 104–110.
- 赵金良, 李思发. 长江中下游鲢、鳙、草鱼、青鱼种群分化的同工酶分析. *水产学报*, 1996, 20(2): 104–110.
- [25] LI Si-Fa, LV Guo-Qing, Bernatchez L. Diversity of mitochondrial DNA in the populations of Silver carp, Bighead carp, Grass carp and Black carp in the middle and lower reaches of the Yangtze river. *Acta Zoologica Sinica*, 1998, 44(1): 82–93.
- 李思发, 吕国庆, L 贝纳切兹. 长江中下游鲢鳙草青四大家鱼线粒体 DNA 多样性分析. *动物学报*, 1998, 44(1): 82–93.

## 更正

《遗传》30 卷第 9 期 1218 页图 1 父本中非紫冠的基因符号  $C_1$  应为  $c_1$ ,  $F_1$  代紫冠基因符号  $C_1c_2$  应为  $C_1c_1$ ; 全文中基因符号  $Sn_1$  改为  $Su_1$ ,  $sn_1$  改为  $su_1$ 。

特此更正。

作者

2008-9-19